



(51) 国際特許分類6 C12N 15/00, A01K 67/00, C12Q 1/68	A1	(11) 国際公開番号 WO97/41217 (43) 国際公開日 1997年11月6日(06.11.97)
(21) 国際出願番号 PCT/JP97/01470 (22) 国際出願日 1997年4月24日(24.04.97) (30) 優先権データ 特願平8/134422 1996年4月30日(30.04.96) JP (71) 出願人 (米国を除くすべての指定国について) 大塚製薬株式会社 (OTSUKA PHARMACEUTICAL CO., LTD.)(JP/JP) 〒101 東京都千代田区神田司町2丁目9番地 Tokyo, (JP) (72) 発明者; および (75) 発明者/出願人 (米国についてのみ) 飯田 満(IIDA, Mitsuru)(JP/JP) 〒772 徳島県鳴門市撫養町立岩字元地232-1 Tokushima, (JP) 小平 司(KODAIRA, Tsukasa)(JP/JP) 〒771-02 徳島県板野郡松茂町広島字南川向56-7 Tokushima, (JP) 村上 尚(MURAKAMI, Takashi)(JP/JP) 〒770 徳島県徳島市佐古一番町9-6 アルフェリア佐古一番町902 Tokushima, (JP) 島 健二(SHIMA, Kenji)(JP/JP) 〒770 徳島県徳島市中吉野町二丁目22-3 Tokushima, (JP)		(74) 代理人 弁理士 三枝英二, 外(SAEGUSA, Eiji et al.) 〒541 大阪府大阪市中央区道修町1-7-1 北浜TNKビル Osaka, (JP) (81) 指定国 AU, CA, CN, JP, KR, MX, US, 欧州特許 (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). 添付公開書類 国際調査報告書
(54)Title: ob PROTEIN RECEPTOR GENES AND USE OF THE SAME		
(54)発明の名称 ob 蛋白レセプター遺伝子及びその用途		
(57) Abstract ob Protein receptor genes expressing the expression character of obesity which are applicable to the gene diagnosis of spontaneous model animals with obesity, etc. ob Protein receptor genes originating in warm-blooded animals expressing the expression character of obesity; an ob protein receptor gene encoding the amino acid sequence represented by SEQ ID NO: 1 wherein the codon at the 269-position is a base sequence encoding proline; and an ob protein receptor gene having the base sequence represented by SEQ ID NO: 2 wherein the nucleotide at the base no. 806 is cytosine.		

(57) 要約

本発明は、肥満の表現形質を発現するob蛋白レセプター遺伝子を提供し、肥満を自然発症するモデル動物の遺伝子診断等への応用を開示するものである。つまり本発明は、肥満の表現形質を発現する温血動物由来のob蛋白レセプター遺伝子、配列番号1で示されるアミノ酸配列をコードするob蛋白レセプター遺伝子において、コドン269位がプロリンをコードする塩基配列であることを特徴とするob蛋白レセプター遺伝子、および配列番号2で示される塩基配列を有するob蛋白レセプター遺伝子において、塩基番号806位のヌクレオチドがシトシンであることを特徴とするob蛋白レセプター遺伝子である。

参考情報

P.C.T.に基づいて公開される国際出願のパンフレット第一頁に記載されたP.C.T.加盟国を特定するために使用されるコード

AL	アルバニア	ES	スペイン	LR	リベリア	SG	シンガポール
AM	アルメニア	FI	フィンランド	LS	レソト	SI	スロヴェニア
AT	オーストリア	FR	フランス	LT	リトアニア	SK	スロヴァキア共和国
AU	オーストラリア	GA	ガボン	LU	ルクセンブルグ	SL	シエラレオネ
AZ	アゼルバイジャン	GB	英国	LV	ラトヴィア	SN	セネガル
BA	ボスニア・ヘルツェゴビナ	GE	グルジア	MC	モナコ	SZ	スワジランド
BB	バルバドス	GH	ガーナ	MD	モルドヴァ共和国	TD	チャード
BE	ベルギー	GM	ガンビア	MG	モルドガスカル	TG	トーゴ
BF	ブルキナ・ファソ	GN	ギニア	MK	マケドニア旧ユーゴス ラヴィア共和国	TJ	タジキスタン
BG	ブルガリア	GR	ギリシャ	ML	マリ	TM	トルクメニスタン
BJ	ベナン	HU	ハンガリー	MN	モンゴル	TR	トルコ
BR	ブラジル	ID	インドネシア	MR	モリタニア	TT	トリニダード・トバゴ
BY	ベラルーシ	IE	アイルランド	MW	マラウイ	UA	ウクライナ
CA	カナダ	IL	イスラエル	MX	メキシコ	UG	ウガンダ
CF	中央アフリカ共和国	IS	アイスランド	NE	ニジェール	US	米国
CG	コンゴ	IT	イタリア	NL	オランダ	UZ	ウズベキスタン
CH	スイス	JP	日本	NZ	ニュージーランド	VN	ヴェトナム
CI	コート・ジボアール	KE	ケニア	PL	ポーランド	YU	ユーゴスラビア
CM	カメルーン	KG	キルギスタン	PT	ポルトガル	ZW	ジンバブエ
CN	中国	KP	朝鮮民主主義人民共和国	RO	ルーマニア		
CU	キューバ	KR	大韓民国	RU	ロシア連邦		
CZ	チェコ共和国	KZ	カザフスタン	SD	スーダン		
DE	ドイツ	LC	セントルシア	SE	スウェーデン		
DK	デンマーク	LI	リヒテンシュタイン				
EE	エストニア	LK	スリランカ				

明 細 書

o b 蛋白レセプター遺伝子及びその用途

技 術 分 野

5 本発明は o b 蛋白レセプターの遺伝子及びその変異体、
詳細には、肥満の表現形質を発現する温血動物に由来す
る o b 蛋白レセプターの遺伝子に関する。

更に本発明は、これらの o b 蛋白レセプター遺伝子の
各種分野における応用に関する。

10

背 景 技 術

実験医学の分野では、長い間実験的発症モデル (indu
ced animal model) が疾患モデル動物として利用され、そ
の結果、感染症の疾患や栄養障害による疾患等といった
15 多くの疾患が克服され、人類が健康で文化的な生活を営
むことを可能とし、平均寿命を飛躍的に増加させる等、
重要な役割を果たしてきた。

しかし、近年に至って、病因がまだ解明されない疾患
として、ヒトの体質に内在する因子、言い換えれば遺伝
20 性の素因によって引き起こされる疾病がクローズアップ
されてきており、これらの疾患の病因を解明し、治療法
を確立するための研究に使用できる疾患モデル動物 (自

然発症モデル：spontaneous animal model)が必要になってきた。すなわち、モデル動物として、ヒトの疾患に酷似した症状を自然発症する突然変異動物や異常形質を発現する系統動物が必要となってきた。

5 ところで、肥満症は、産業の発達した現代社会において万人に共通した健康上の問題であり、またそれは糖尿病、高血圧、高脂血症等といった重篤な疾患とも関連しているため、永年その病因の解明が望まれている疾患の一つである。

10 この病因に関しては、1994年にY. Zhangらによってマウスから、高インシュリン、高血糖症（II型糖尿病）を発現するobese遺伝子（以下、ob遺伝子という。）が単離・同定され、その遺伝子の劣性突然変異によって、重篤な遺伝性肥満症が引き起こされることが示された〔Nature
15 372, 425-432（1994）〕。

 その後の多くの研究により、大腸菌（E. coli）から精製されたob遺伝子の生成物（以下ob蛋白ともいう。leptin：レプチン）をマウスに投与することにより、マウスの体重が減少することが示されている〔Science 269,
20 540-543（1995）；Science 269, 543-546（1995）；Science 269, 546-549（1995）；Nature 377, 530-532（1995）〕。

また、良く特徴づけられているマウスの劣性肥満の変異形質 (recessive obesity mutation) は、糖尿病 (diabetes; db) である。db 変異がホモ [同型接合体 (db/db)] であるマウスは、同様に ob 変異がホモである (ob/ob) マウスの表現型 (phenotype) とほとんど同じ肥満表現型を示す。 (ob/ob) マウスと (db/db) マウスについての研究から、(db/db) マウスは ob 蛋白シグナルの受容機能を欠損している可能性が示されている [Diabetologia 14, 141-148 (1978)]。

1995年後半、マウス ob 蛋白レセプターの cDNA が、マウス脈絡膜叢由来の cDNA 発現ライブラリーをスクリーニングすることによりクローニングされ、その生成物たるレセプターは一回膜を貫通する膜貫通型レセプターであることが示唆された。それは、gp130、インターロイキン6レセプターのシグナル変換成分、グラニューロサイトコロニー刺激因子のレセプター及び白血病阻害因子のレセプターと極めて深く関連するものである。マウス ob 蛋白レセプターの細胞内ドメインは、上記レセプター及びアミノ酸304個からなるヒトの相同物と比べて短く、たったの34アミノ酸からなるものであるが、遺伝子マッピングにより、マウス ob 蛋白レセプター遺伝子がこれらと近接な関係にあることが示されてい

る。

また最近、マウス *ob* 蛋白レセプター遺伝子にいくつかのスプライス変異体が存在することが報告されており、(db/db)マウスの遺伝子に異常な形にスプライスされた変異体が見つかっている [Cell 84, 491-495, (1996); Nature 379, 632-635 (1996)]。

一方、ラットについては、マウスに比較してその遺伝学はあまり発展しておらず、従来、系統についての関心も薄かった。ところが、上述するように、近年遺伝性の素因によって惹起される病気がヒトの医療における重要な問題となってくるとともに、ラットについても疾患モデルとなりうる遺伝的特性を有するものが、強く求められるようになってきた。それと共に、かかる自然発症モデルラットの迅速な選別および該動物の安定した供給が重要な課題となっている。

発 明 の 開 示

本発明者らは、鋭意研究を重ねた結果、SDラット並びに肥満表現型 (fatty) のホモ体である Zucker (fa/fa) ラットから、*ob* 蛋白レセプターの cDNA をクローニングすることに成功した。そして、それらの配列を解析しかつ比較検討することにより、それら特定領域がラッ

ト、ヒト及びマウス間で良く保存されていること、及び S D ラット由来の c D N A と Zucker(fa/fa)ラット由来の c D N A との間に、ヌクレオチドの相違があることを発見し、更に、この相違が肥満表現型に関連していることを見いだして、本発明を完成した。

すなわち、本発明は、配列番号 1 で示されるアミノ酸配列をコードする塩基配列を有することを特徴とする o b 蛋白レセプター遺伝子、また、配列番号 2 で示される塩基配列を有することを特徴とする o b 蛋白レセプター遺伝子である（以下、この遺伝子を第一番目の o b 蛋白レセプター遺伝子ともいう。）。

さらに本発明は、肥満の表現形質を発現する温血動物由来のob蛋白レセプター遺伝子である。具体的には、上記第一番目のob蛋白レセプター遺伝子において、コドン269位がグルタミンの代わりにプロリンをコードする塩基配列であることを特徴とするob蛋白レセプター遺伝子、また、上記第一番目のob蛋白レセプター遺伝子において、塩基番号806位のヌクレオチドがアデニンの代わりにシトシンであることを特徴とするob蛋白レセプター遺伝子である（以下、この遺伝子を第二番目のob蛋白レセプター遺伝子ともいう。）。

以下、本明細書において用いるアミノ酸、ペプチド、

塩基配列、核酸などの略号による表示は、I U P A C、I U B の規定、「塩基配列又はアミノ酸配列を含む明細書等の作成のためのガイドライン」（日本特許庁編）及び当該分野における慣用記号に従うものとする。

- 5 まず、本発明の第一番目の o b 蛋白レセプター遺伝子について説明する。

本発明の遺伝子は、配列番号 1 で示されるアミノ酸配列をコードする塩基配列を有することを特徴とするラット由来の o b 蛋白レセプター遺伝子である。

- 10 本発明の遺伝子の塩基配列は、配列番号 1 に示されるアミノ酸配列をコードするものであれば、特に制限されず、コドンの縮重性に基づいて、該アミノ酸配列の各アミノ酸残基をコードし得る任意のコドンを組み合わせた塩基配列を有することもできる。好ましくは、配列番号 1
15 に示されるアミノ酸配列をコードする塩基配列であって、且つその配列中に制限酵素 H p a I I または M s p I の認識部位を有しない塩基配列である。より好ましくは、配列番号 2 で示される塩基配列である。

- 尚、本発明の o b 蛋白レセプター遺伝子は、少なくとも
20 も前述するような塩基配列を構成要素として有するものであればよく、従って、例えば該塩基配列の 5' 末端又は / 及び 3' 末端側に 1 乃至は複数の任意の塩基配列を

有していても良い。

当該遺伝子は、ラット、好ましくは肥満の形質を発現しないラットに由来するob蛋白レセプターの遺伝子である。肥満の形質を発現しないものであれば、ラットの
5 系統は特に制限されないが、好ましくは、SD (Sprague-Dawley)ラット、Wistarラット等が挙げられる。

本発明の遺伝子は、SDラットの肺由来の全RNAを用い、またプライマーとしてマウスob蛋白レセプターのcDNAの翻訳もしくは非翻訳領域に対して特異的であるセンスプライマー〔センスプライマーS1 : G C A
10 A A T C C A G G T G T A C A C C T C T G A A G A A
A G (マウスob蛋白レセプターのcDNAの塩基番号-30~-1の残基)、センスプライマーS2 : G C A
T T G T G A G T G A C C G A G T T A G C A A A G T
15 T A (マウスob蛋白レセプターのcDNAの塩基番号1139~1168の残基)〕及びアンチプライマー
〔アンチセンスプライマーA3 : C T G C T C A T T G
C A G C A G T A C A C T G C G T C A T A (マウスob蛋白レセプターのcDNAの塩基番号1242から1
20 213残基)、アンチセンスプライマーA4 : T T G G
G T T C A T C T G T A G T G G T C A T G A G A G A
C (マウスob蛋白レセプターのcDNAの塩基番号2

7 1 6 から 2 6 8 7 残基)] [Cell 83, 1263-1271 (1995)] を使用して、逆転写ポリメラーゼ鎖反応 (R T - P C R : reverse transcription-polymerase chain reaction) [Proc. Natl. Acad. Sci., USA 85, 5698-5702 (1988); Science 241, 708-712 (1988); Science 241, 1823-1825 (1988)] により得られたものである (実施例 1 参照)。

ただし、ラットは上述のように S D ラットに限定されず、また組織も肺に限定されず、種々の組織、器官 (心臓、肺、脾臓、腎臓、睪丸、筋肉、脂肪組織、脾臓、小腸、肝臓等) に由来する R N A を用いることができる。また、P C R に用いるプライマーとしては、マウス o b 蛋白レセプターの c D N A に由来するものである必要はなく、本発明で明らかにされた本発明の遺伝子の配列情報に基づいて適宜設定することができ、またそれらは常法に従い合成することができる。

次に、本発明の第二番目の o b 蛋白レセプター遺伝子について説明する。

本発明の遺伝子は、肥満の表現形質を発現する温血動物由来の o b 蛋白レセプター遺伝子であり、具体的には配列番号 1 で示されるアミノ酸配列をコードする塩基配列を有する遺伝子において、その塩基配列の一部が、肥

満の表現形質を発現するように変異してなる o b 蛋白レセプター遺伝子等が例示される。

ここで、変異とは、肥満の表現形質を発現するような変異であれば特に限定されず、前述する塩基配列の一部
5 が他の 1 ないしは複数個のヌクレオチド又は塩基配列で置換されてなる態様、上記塩基配列の一部に他の 1 ないしは複数個のヌクレオチド又は塩基配列が付加されてなる態様、及び上記塩基配列の任意の場所の 1 乃至は複数個のヌクレオチド又は塩基配列が削除されてなる態様の
10 いずれをも含む概念である。

好ましい変異は、o b 蛋白レセプター遺伝子の発現能力は損なわれないが、発現、生成される o b 蛋白レセプターの o b 蛋白に対する受容機能が低下もしくは損なわれ、肥満形質を誘発するような変異である。より好まし
15 くは、変異によって制限酵素認識部位の新たな形成、もしくは消失を伴う変異の態様である。

かかる変異態様を有する遺伝子であれば、形成及び／又は消失した部位を認識する制限酵素を利用することにより、簡便に変異遺伝子を検出することができる。また、
20 かかる遺伝子の検出は、ひいては遺伝子変異により肥満形質を発現する温血動物を正常な温血動物と区別、選別することに応用できる。

なお、本発明で温血動物とは、哺乳類（ヒト、ラット、ウシ、豚、羊など）及び鳥類等を広く含むものである。

変異のうち、好適には、上記第一番目の o b 蛋白レセプター遺伝子が有する塩基配列中の一部が、肥満形質を
5 発現するように他のヌクレオチドで置換してなる態様のものが挙げられる。

具体的には、第一番目の o b 蛋白レセプター遺伝子において、コドン 269 位がグルタミンの代わりにプロリンをコードする塩基配列となるように置換されてなること
10 とを特徴とする o b 蛋白レセプター遺伝子が例示される。より具体的には、配列番号 3 で示されるアミノ酸配列をコードする塩基配列を有することを特徴とする o b 蛋白レセプター遺伝子が挙げられる。かかる遺伝子の塩基配列は、配列番号 3 に示されるアミノ酸配列をコードする
15 ものであれば、特に制限されず、コドンの縮重性に基づいて、該アミノ酸配列の各アミノ酸残基をコードし得る任意のコドンを組み合わせた塩基配列を有することもできる。好ましくは、配列番号 3 記載のアミノ酸配列をコードし、塩基番号 806 位領域部分に制限酵素 H p a I I ま
20 たは M s p I の認識部位を有しているものである。より好ましくは、第一番目の o b 蛋白レセプター遺伝子において、塩基番号 806 位のヌクレオチドがアデニンの代

わりにシトシンであることを特徴とするob蛋白レセプター遺伝子であり、具体的には、配列番号4で示される塩基配列を有することを特徴とするものである。

尚、当該第二番目のob蛋白レセプター遺伝子も、前
5 記第一番目のob蛋白レセプター遺伝子と同様、上で述
べる特定の塩基配列を有する限り、その5'末端又は/
及び3'末端側に1乃至複数の任意の塩基配列を有して
いても良い。

当該遺伝子は、肥満形質を発現する温血動物、具体的
10 には遺伝子型としてfa/fa(fatty遺伝形質のホモ体、同
型接合体)を有する温血動物のob蛋白レセプターの遺
伝子である。かかる遺伝子型を有するものであれば、動
物の系統は特に制限されない。

本発明の遺伝子は、具体的には、Zucker(fa/fa)ラット
15 [Zucker, L. M., and Zucker, T. F. (1961) J. Hered.
52, 275-278]の肺由来の全RNAを用い、またプライマ
ーとして、前述したマウスob蛋白レセプターcDNA
の翻訳もしくは非翻訳領域に対して相同性を有するセン
スプライマー及びアンチプライマー[Cell 83, 1263-12
20 71 (1995)]を使用して、逆転写ポリメラーゼ鎖反応(R
T-PCR)により得られたものである。

ただし(fa/fa)ラットは上述のようにZucker(fa/fa)ラ

ットに限定されず、また組織も肺に限定されず、種々の組織、器官（心臓、肺、脾臓、腎臓、睪丸、筋肉、脂肪組織、膵臓、小腸、肝臓等）に由来するRNAを用いることができる。

5 また、PCRに用いるプライマーとしては、マウスob蛋白レセプターのcDNAに由来するものである必要はなく、本発明で明らかにされた本発明の遺伝子の配列情報に基づいて適宜設定することができ、またこれらは常法に従い合成することができる。

10 本発明の第二番目のob蛋白レセプター遺伝子の塩基配列は、前述する第一番目の遺伝子と比較して、その塩基番号806位がアデニンではなくシトシンである点が相違している（表現型関連ヌクレオチド変化、図4、図5参照）。この部位のヌクレオチドの置換（変異）に基づいて、
15 (fa/fa)動物由来のob蛋白レセプター遺伝子の塩基配列中には新たに制限酵素HpaIIまたはMspI認識部位が形成されている。また、このヌクレオチド変化により、該ヌクレオチドが形成するコドン269は、正常型（例えばSDラット）がグルタミン（CAG）であるのに対し、
20 (fa/fa)型〔例えば(fa/fa)ラット〕ではプロリン（CCG）になっている。

このように、本発明の第二番目のob蛋白レセプター

遺伝子は、肥満形質（肥満表現型：obese phenotype）を発現する（fa/fa）動物が有する特有のob蛋白レセプター遺伝子である。従って、正常な動物のob蛋白レセプター遺伝子との塩基番号806位における相違に基づく、

5 ob蛋白レセプターのアミノ酸配列の相違（Gln²⁶⁹→Pro²⁶⁹）が、該レセプターへのob蛋白（レプチン）の結合機能を何らかの形で破壊することによって、動物の肥満表現型の発現に関連しているものと考えられる。

前述する本発明の第一番目及び第二番目のob蛋白レセプター遺伝子は、本発明により開示された配列情報に基づいて、化学合成、遺伝子工学的手法等の常法を用いて容易に製造することができる〔Molecular Cloning 2nd Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989);

10 続生化学実験講座「遺伝子研究法 I, II, III」、日本生化学会編(1986)等参照〕。

15

例えば、本発明の第一番目のob蛋白レセプター遺伝子については、前述の方法の他、ラット等のcDNAライブラリーから、本発明遺伝子に特有の適当なプローブや抗体を用いて、所望のクローンを選択することにより

20 調製することができる〔Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 78, 6613 (1981)〕。

プローブとしては、本発明で開示するob蛋白レセプ

ター遺伝子の配列情報に基づいて適宜設定することができ、これらは常法に従い合成することができるが、好適には、後述の実施例 3 (1) で示されるような [α -³²P] c C T P でラベル化されたラット o b 蛋白レセプター c D N A プローブが例示される。c D N A ライブラリーは、簡便には市販されているものを使用することができる。

また本発明の第二番目の o b 蛋白レセプター遺伝子については、前述のように、遺伝子型として fa/fa、即ち肥満形質の表現型がホモ（同型接合体）である温血動物、具体的には Zucker(fa/fa)ラット、Wistar(fa/fa)ラット等の全 R N A から、適当なプライマーを用いて、逆転写ポリメラーゼ鎖反応（R T - P C R）により c D N A を製造する方法が挙げられる。

ここでプライマーは、実施例 1 に具体的に示すマウス o b 蛋白レセプター c D N A の一部と相補的な配列を有するセンスプライマー S 1 及び S 2、アンチセンスプライマー A 3 及び A 4 が用いられる他、本発明で開示する第二番目の o b 蛋白レセプター遺伝子の配列情報に基づいて適宜設定され、また常法により合成されるものをも使用することができる。尚、P C R 増幅により得られた c D N A は、常法に従って単離、精製することが出来る。

単離、精製方法としては、特に制限されないが例えばゲル電気泳動法等が挙げられる。

cDNAやRNAの調製に用いられる組織又は器官は、本発明のこれらの遺伝子を有するもので有れば、特に制限されない。具体的には、ラットの心臓、肺、脾臓、腎臓、睪丸、筋肉、脂肪組織、脾臓、小腸、肝臓などが挙げられる。

全RNAの調製、mRNAの分離・精製、cDNAの取得およびそのクローニングはいずれも常法に従って行うことができる。

cDNAライブラリーから本発明の遺伝子をスクリーニングする方法もまた常法に従って行うことができる。該スクリーニング方法としては、目的のDNA配列に選択的に結合するプローブを用いたブランクハイブリダイゼーション、コロニーハイブリダイゼーション等、及びこれらの組合わせを例示することができる。

プローブとしては、本発明で開示する遺伝子配列情報をもとにして化学合成されるDNA配列、好ましくは放射性標識（例えば、 $[\alpha - ^{32}\text{P}] \text{dCTP}$ ）等でラベル化されたものを用いることができ、具体的には実施例3（1）で示されるものが例示される。

上記方法に従って得られる本発明の遺伝子、あるいは

各種 DNA 断片等の塩基配列の決定も、常法に従って行うことが出来る。例えば、ジデオキシ法 [Proc. Natl. Acad. Sci., USA. 74, 5463-5467 (1977)] や、マキサム-ギルバート法 [Method in Enzymology, 65, 499 (1980)] 等が挙げられる。また、かかる塩基配列の決定は、市販のシーケンスキット等を用いることにより、簡便に行うことが出来る。

また、本発明の遺伝子は、通常の遺伝子組換え技術によっても製造することができる。また、本発明の遺伝子を利用することにより、遺伝子組換え技術を用いて、ob 蛋白レセプター遺伝子生成物、つまり ob 蛋白レセプター（蛋白質）を製造・取得することが出来る。かかる蛋白質の製造は、本発明の遺伝子を有する発現ベクターを構築し、該発現ベクターを本発明の遺伝子が発現し得るような宿主細胞に導入して、該細胞、即ち形質転換体を培養することにより行うことが出来る。

ここで宿主細胞としては、原核生物及び真核生物のいずれをも使用することができる。該真核生物の細胞には、脊椎動物、酵母、昆虫などの細胞が含まれ、脊椎動物細胞としては、cos（サル）、CHO（ハムスター）等が例示される。

原核生物の宿主としては、通常大腸菌や枯草菌が用い

られる。これらを宿主として利用する場合、例えば該宿主中で複製可能なプラスミドベクターを用い、このベクター中に本発明の遺伝子が発現できるように該遺伝子の上流にプロモーター及びSD（シャイン・アンド・ダルガーノ）塩基配列、更にタンパク合成開始に必要な開始コドン（例えばATG）を付与した発現プラスミドを利用するのが好ましい。上記宿主としての大腸菌としては、エシエリヒア・コリ（*Escherichia coli*）K12株などが良く用いられ、ベクターとしては一般にpBR322及びその改良ベクターが良く用いられるが、特にこれらに限定されず、公知の各種の菌株およびベクターを用いることができる。プロモーターとしては、例えばトリプトファン（trp）プロモーター、lppプロモーター、lacプロモーター、PL/PRプロモーター等を使用することができる。

真核生物としては、酵母、特にサッカロマイセス属酵母が一般的に用いられる。該酵母等の真核微生物の発現ベクターとしては、例えば酸性ホスファターゼ遺伝子に対するプロモーターを有するpAM82〔Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 80, 1-5 (1983)〕等を利用することができる。

脊椎動物の発現ベクターとしては、通常発現しようと

する遺伝子の上流に位置するプロモーター、RNAの
プライス部位、ポリアデニル化部位及び転写終了配列な
どを保有するものを使用でき、これは更に必要により複
製起点を有していても良い。該発現ベクターの例として
5 は、例えば、sv40の初期プロモーター有するpSV
2dhfr [Mol. Cell. Biol., 1, 854 (1981)] 等が例示で
きる。

かくして得られる所望の組換えDNAの宿主細胞への
導入方法及びこれによる形質転換法は、当業界で用いら
10 れる各種の手法が用いられる。また、得られる形質転換
体は、常法に従って培養でき、該培養により本発明遺伝
子によりコードされるob蛋白レセプター（蛋白質）が
発現・産生される。該培養に用いられる培地としては、
採用する宿主細胞に応じて慣用される各種のものを適宜
15 選択利用でき、その培養も宿主細胞の生育に適した条件
下で実施できる。

かかる方法により製造されるob蛋白レセプター蛋白
は、必要に応じて、その物理的性質、化学的性質などを
利用した各種の分離操作〔「生化学データブックII」、
20 1175-1259頁、第1版第1刷、東京同人発行；Biochemis
try, 25 (25), 8274-8277 (1986); Eur. J. Biochem.,
163, 313-321 (1987)等参照〕により分離、精製できる。

かくして、得られる蛋白質は、o b 蛋白レセプターに対するモノクローナル抗体の作製に、また o b 蛋白レセプター測定 of 標準品として有用である。

また、本発明によって明らかにされた本発明の第一番
5 目および第二番目の遺伝子の配列情報を基にし、これらの
遺伝子の一部又は全部の塩基配列を利用することにより、
各系統の温血動物、また温血動物の各組織における
本発明遺伝子の発現を検出することができる。

具体的には、本発明の遺伝子の一部又は全部を有する
10 DNA 配列を例えば放射性標識によりラベル化してプローブ
とし、ノーザンブロッティング解析 [Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989)] 等により実施することができる。

15 すなわち、本発明の第一番目又は第二番目の遺伝子は、
その全部又は一部を用いることにより、本発明の第一番
目又は第二番目の遺伝子の特異的に増幅／検出することが
できるプライマー／プローブとして有用である。

従って、本発明は、本発明の第一番目又は第二番目の
20 遺伝子の特異的に増幅／検出することができるプライマ
ー／プローブを提供するものでもある。

また、本発明の第一番目の遺伝子は、その o b 蛋白レ

セプター遺伝子の変異型を発見、評価、検出するための
対照（標準品）として有用である。

さらに、本発明は、肥満形質を発現する(fa/fa)温血動物
物に由来する本発明の第二番目のob蛋白レセプター遺
5 伝子の検出方法を提供する。

本発明の第二番目のob蛋白レセプター遺伝子は、前
述したように肥満表現型の温血動物に由来する遺伝子で
あり、その塩基配列の一部（塩基番号806位）が正常
の温血動物のob蛋白レセプター遺伝子と相違するもの
10 である。

本発明の方法は、かかる特定の相違（変異）を検出す
ることを特徴とするものであり、これは、温血動物のo
b蛋白レセプター遺伝子多型の遺伝子診断として有用で
ある。また、この検出方法は、ひいては当該遺伝子を有
15 する肥満表現型〔(fa/fa)型〕の温血動物の検出、選別方
法等に応用することができる。

かかる方法は、本発明によって明らかにされ且つ特徴
付けられた前述の特定の変異を検出するものである限り
において、その手法等は特に制限されず、例えば常法で
20 ある各種の方法を広く採用することができる。すなわち、
本発明によって検出すべき遺伝子変異が明らかにされ、
これが特定されている以上、その検出のための手法等は

本明細書の開示に従って当業者に適宜容易に採用することができる。

具体的な検出方法としては、（１）前述の特定された変異位置の塩基配列を解析する方法、（２）変異により生じた物理化学的性質上の差や制限酵素部位の相違を利用する方法（例えば、本発明にかかる変異部位を含む適当なDNA試料におけるゲル電気泳動やキャピラリー電気泳動等の各種電気泳動手段等において、挙動の差を利用する方法）、（３）本発明にかかる変異の検出に適当な検出用プローブを利用する方法等、及び（４）これらの組み合わせによる方法等が例示される。

本発明においては、特に変異によってob蛋白レセプター遺伝子の塩基配列に新たに制限酵素認識部位（例えば、HpaIIまたはMspI認識部位等）が形成されることから、好適には、制限酵素サイトの相違を利用する方法が用いられる。具体的には、ラットの適当な組織のRNAからRT-PCRを用いてcDNAをクローニング、増幅して、得られたPCR生成物を制限酵素HpaIIまたはMspIで消化し、該消化物を電気泳動により、分画し、分画されたDNAのバンドをエチジウムブロマ이드等で直接検出するか、又は適当なプローブを用いて検出する方法が挙げられる。

なお、PCRで用いられるプライマーとしては、前述したものが例示される。

またここで、用いられる検出用プローブは、被検DNA試料とのハイブリダイゼーションにおいて、採用する
5 検出条件下で検出可能な程度の特異性を与えるものであれば、特に制限されない。

上記検出方法として、より具体的には、例えばサザンハイブリダイゼーション法及びドットハイブリダイゼーション法〔J. Mol. Biol., 98, 503-517 (1975)等〕や、
10 PCR (Polymerase chain reaction) - RFLP法 (Restriction fragment length polymorphism: 制限酵素断片長多型分析法)、PCR - SSCP法 [Single strand conformation polymorphism: 短鎖高次構造多型分析法、Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 86, 2766-2770 (1989)等]、
15 PCR - SSO法 (Specific sequence oligonucleotide: 特異的配列オリゴヌクレオチド法)、PCR - SSO法とドットハイブリダイゼーション法とを用いる対立遺伝子特異的オリゴヌクレオチド法〔ASO: allele specific oligomer; Nature, 324, 163-166 (1986)等〕といったDNA増幅手法との組み合わせによる方法及びこれ
20 らの方法の組み合わせ等を例示することが出来る。中でもPCR法を組み合わせる方法は、少量のDNA

A 試料を利用して簡便且つ容易にしかも感度及び精度の高い検出が可能である点で、より好ましいものである。

簡便性の面からは、RFLP法を利用した検出手段が好ましい。以下、この検出法を例としてより詳細に説明
5 する。

尚、上記検出法において、採用され得る各種の操作、例えば一部DNAの化学合成、DNAの切断、削除、付加乃至結合を目的とする酵素処理、DNAの単離、精製、複製、選択などはいずれも常法に従うことが出来る〔分子遺伝学実験法、共立出版（株）1983年発行；PCRテクノロジー、宝酒造（株）1990年発行等〕。例えば、DNAの単離精製は、アガロースゲル電気泳動法等に従うことができ、DNA配列の決定は、例えばジデオキシ法〔Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 74, 5463-5467 (1977)〕
10 やマキシムーギルバード法〔Method in Enzymology, 65, 499-560 (1980)〕等に従うことができる。DNA塩基配列の決定は、市販のシーケンスキットなどを用いることによって容易に行うことができる。DNAの特定領域の増幅のためのPCR法もまた常法〔例えば、Science, 230, 1350-1354 (1985)等〕に従うことができる。これ
20 ら各種の基本的操作は例えば本明細書で引用する文献においても採用されており、後述の実施例とともにこれら

の各文献が参照される。

本発明の遺伝子の検出において、測定対象であるゲノムDNAは、温血動物由来のサンプルであり、これを含むものであれば特に制限されない。例えば、血液、骨髓液、精液、腹腔液、尿などの体液；肝臓等の組織細胞；
5 体毛などを利用することができる。ゲノムDNAは、これらサンプルより常法に従って抽出、精製し、調製することができる。

該ゲノムDNAより、本発明にかかる変異部位を含むDNA領域を増幅し、多量に且つ濃縮された被検体を得ることもできる。測定対象としては、この変異部位を含むDNA領域を増幅したものが特に好ましい。これは、例えば本発明の遺伝子の変異部位（塩基番号806位）を含む領域を特異的に増幅するように適宜設定したプライマーを採用して、PCR法に従い増幅することができる。
10 かかるプライマーの設定は、常法に従って行うことができる。増幅する領域の塩基の長さ等にも特に制限はなく、通常100bpから2000bp程度とすることが出来る。

20 かかるプライマー設定の好適な一例としては、センスプライマー：5' - A A T C A C A T C T G C T G G T G T G A G - 3'（ラットob蛋白レセプターcDNA

塩基配列 6 3 9 位から 6 5 9 位)、アンチセンスプライマー: 5' - C C A G T C A C T C C A G A C T C C T G - 3' (ラット ob 蛋白レセプター cDNA 塩基配列 9 6 0 位から 9 4 1 位の配列に対する相補的配列) 等が
5 挙げられる。かかるプライマーによれば、本発明の遺伝子を含む特定の長さの増幅された DNA フラグメントとして上記所望の被検体を提供することができる。

上記のようにして PCR 法に従い増幅された所望の DNA 領域は、制限酵素 (例えば H p a II または M s p I
10 等) により消化され、生成した切断断片は電気泳動により特定バンドとして確認される。

このようにして得られたバンドのパターンにより、ob 蛋白レセプター遺伝子の変異体 (本発明における第二番目の ob 蛋白レセプター遺伝子) を検出することが出
15 来る。

またこの変異遺伝子の検出方法は、肥満形質を発現する温血動物 [(fa/fa) 型動物] の遺伝子診断法として有用である。

即ち、この検出方法は、当該変異遺伝子を有し肥満形質を発現する (fa/fa) 型の温血動物を迅速に検出、選別する
20 方法として応用することができる。また、このことは肥満症についての自然発症モデル動物 (疾患モデル動物、

例えばラット等)を、遺伝子的に安定にかつ確実に供給できる効果につながる。

通常、肥満疾患モデル動物は、そのホモ接合体 (fa/fa) は生殖能力がないため、 fa 遺伝子をもつヘテロ接合体同士を掛け合わせて $[(fa/Fa) \times (fa/Fa)]$ 、得られたものの中から、約 $1/4$ の割合で生じる (fa/fa) 遺伝子を有するものを選別しなくてはならないが、従来は特にその選別手段がなかったため、実験モデル動物供給業者が同腹子と一緒に飼育して、その中で特別に肥満したものをある時点 (約 12 週令) で選別し、提供する形態が採られてきている。しかし、これでは、離乳後の環境要因等の後天的な影響を受け、遺伝的に安定した疾患モデル又は厳密な動物実験系を提供するには不適當である。即ち、RusselとBurchらの演出型説 (1959年) に鑑みれば、
15 遺伝的異常に基づく疾患モデル動物を安定に提供するためには、環境要因 (発生環境、近隣環境) の影響が入らぬよう環境的背景を充分コントロールする必要があるであろう。

本発明によれば、 ob 蛋白レセプター遺伝子に変異があるために肥満してしまう実験モデル動物を、環境的要因が加わる前、すなわち出生後にすぐに選別でき、遺伝的疾患モデル (肥満モデル) として厳密な動物実験系の
20

動物（例えば、ラット）を提供することができる。また、従来は（fa/fa）動物を1匹創出するためには、確率的に不要な3匹の動物を約12週まで飼育せねばならないのに対して、本発明はそのような飼育をする必要がないため実験動物供給者の動物飼育に伴うコストを削減できる点でも有用である。さらに、研究面においても、誕生直後の（fa/fa）動物（例えば、ラット等）の入手が可能となり、従来の方法では不可能であった誕生直後から肥満発症までの病態及び生理的解析が可能となる点で極めて有用である。

さらにまた、厳密な動物実験系の動物を提供するためには、特定の遺伝形質を有した疾患モデル動物が、その生育・生産及び供給の課程において、当初もっていた遺伝的均一性や特性を維持しているかを客観的に監視することも重要である。従って、本発明で開示する方法は、かかる疾患モデル動物の遺伝的モニタリングにも有用である。

尚、このような遺伝子検出／診断に際しては、本発明に関する変異の存在を検出するための試薬を有効成分として含有する診断剤を利用するのが好ましい。

かかる観点から、本発明は（fa/fa）型の温血動物由来のb蛋白レセプター遺伝子の検出用診断剤をも提供するも

のである。

かかる診断剤には、本発明の(fa/fa)型温血動物由来のob蛋白レセプター遺伝子の存在を検出するための方法に応じた特異的試薬が必須成分として含有される。かかる特異的試薬は、採用する検出方法に従い、適宜選択設定され構成されるが、例えば、前述の検出用プローブとしてのDNA断片及び／又は特定の制限酵素（例えば、HpaIまたはMspI等）等の本発明にかかる変異を特異的に検出するための手段に必要な試薬を含有するものとして特徴づけられる。

また、本発明で開示する変異に関する領域を特異的にPCR増幅するための試薬、例えばそのために設定されたプライマー等も、例えばハイブリダイゼーションのための試薬類と同様に、本発明の診断剤に含ませることができる。

なお、本発明は前述するように、温血動物の肥満に関連する遺伝子及び正常な動物を肥満に導く遺伝子の変異に関する有用な情報を提供するものであり、かかる本発明は、実験動物に限らず、温血動物一般の肥満化方法並びに肥満形質を有する温血動物の提供につながるものである。

図面の簡単な説明

図1は、ラットob蛋白レセプターcDNAのクロー
ニング・ストラテジーを示すスキームである。なお、図
中、黒枠はマウスob蛋白レセプターcDNAの翻訳領
域(coding region of mouse OB-R cDNA)を、太線は5'
5 側と3'側の非翻訳領域を意味する。矢印はRT-PCR
Rに使用したプライマーの相同領域を示す。S1及びS
2は、それぞれマウスob蛋白レセプターcDNAの非
翻訳領域及び翻訳領域と相同性を有するセンスプライマ
ーであり、A3及びA4は、それぞれマウスob蛋白レ
10 セプターcDNAの翻訳領域及び非翻訳領域と相同性を
有するアンチセンスプライマーである。

図2は、SDラット(SD rat)およびBALB/cマウ
ス(BALB/c mouse)の肺由来の全RNAのRT-PCR生
15 成物の電気泳動パターンを示す図面に代わる写真である。
矢印は、ゲルから単離され、pUC19のHincII消
化物にクローンされた、増幅されたob蛋白レセプター
cDNA(約1.3kb及び1.6kb)を示す。尚、
図中「Marker」は、分子量のスタンダード標品を電気泳
20 動したレーンを示す。また、図中「S1-A3」はプライ
マーとしてS1-A3を用いたRT-PCR生成物の
電気泳動のレーンを、「S2-A4」はプライマーとし

て S 2 - A 4 を用いた R T - P C R 生成物の電気泳動のレーンを示す。

図 3 は、S D ラット由来の o b 蛋白レセプター c D N A の塩基配列（上段）及びそれから演繹されるアミノ酸配列（下段）を示す図である。塩基番号は、翻訳開始コドン中のアデニンを + 1 とし、またアミノ酸番号は、翻訳開始コドンによってコードされるメチオニンを + 1 として表した。塩基配列中、大文字は、マウス由来の o b 蛋白レセプター c D N A とは異なるヌクレオチドを意味する。▲は、推定されるシグナルペプチダーゼによる切断部位を示す。太線の下線領域は、推定される膜貫通ドメインを示す。二つの T r p - S e r - X (A s p 又は A s n) - T r p - S e r モチーフは細い下線で示す。黒枠で囲む「cag/Gln」は、Zucker(fa/fa)ラットと相違するコドン 2 6 9 位を示す。

図 4 は、o b 蛋白レセプター c D N A の塩基番号 7 6 3 位から 8 3 7 位（アミノ酸番号 2 5 5 位から 2 7 9 位）の領域について、S D ラットのヌクレオチド配列（上）と推定アミノ酸配列（下）について、マウスのものとヒトのものとを比較した図である〔上段：マウス（図中 mouse と表記）、中段：S D ラット（図中 rat と表記）、下段：ヒト（図中 human と表記）〕。マウスとヒトの配列は、

S D ラットと異なる配列のみを記載した。黒枠は、Zucker(fa/fa)ラットで変化した配列を示す。

図 5 は、S D ラット（図中、SD ratと表記）とZucker(fa/fa)ラット（図中、fa/fa ratと表記）のob 蛋白レセプター c D N A の相違領域のヌクレオチド配列と推定されるアミノ酸配列を示す図である。相違するヌクレオチド及びアミノ酸を太字で示す。Zucker(fa/fa)ラットにおいて新たに出来た制限酵素Hpa II部位をラインで示す。

図 6 は、種々系統のラット〔S D ラット、Zucker(fa/fa)ラット、Wistar(fa/fa)ラット〕の肺RNAのRT-PCR生成物をHpa II消化後、電気泳動に供した電気泳動パターンを示す図面に代わる写真である。矢印は、制限酵素Hpa IIの消化により切断されなかったRT-PCR生成物（約600bp）及び切断されたRT-PCR生成物（約430bp及び170bp）を示す。尚、図中、no digestionとは未消化物を、Hpa II digestionは制限酵素Hpa IIによる消化物を意味する。また、lean littermate of Zucker(fa/fa)とは、Zucker(fa/fa)ラットの子を、lean littermate of Wistar (fa/fa)とは、Wistar(fa/fa)ラットの子を意味する。

図 7 は、種々系統のラット〔レーン左側から、Zucker

(fa/fa)ラット、同腹子No. 1、同腹子No. 2、同腹子No. 3、同腹子No. 4、Wistarラット、SDラット)の染色体DNAの各種制限酵素による消化物を電気泳動した後、ラットob蛋白レセプターcDNAフラグメントをプローブとしてブロットハイブリダイゼーションした結果を示す図面に代わる写真である。

なお、消化に使用された制限酵素は、EcoRI (図A)、HindIII (図B)、BamHI (図C) 及びPstI (図D) である。

10 図8においてAはZucker(fa/fa)ラットの種々の組織でのob蛋白レセプターmRNAの発現レベル、具体的には、Zucker(fa/fa)ラットの同腹子No. 4のさまざまな組織から単離した全RNA (13 μ g) を電気泳動し、
15 ラットob蛋白レセプター cDNAプローブでをハイブリダイズした膜のエチジウムブロミド蛍光をオートラジオグラムで示す図面に代わる写真である。尚、左レーンから、脳(brain)、心臓(heart)、肺(lung)、脾臓(spleen)、腎臓(kidney)、睾丸(testis)、筋肉(muscle)、脂肪組織(adipose tissue)、膵臓(pancreas)、小腸(small
20 intestine)、肝臓(liver)を意味する。

また、図8中Bは、種々系統のラットの脳及び肺でのob蛋白レセプターmRNAの発現レベル、具体的には、

S D ラット、Zucker(fa/fa)ラット及びZucker(fa/fa)ラットの同腹子 (lean littermate) No. 4 の脳(brain)と肺(lung)に由来する全RNAを同様に電気泳動し、ハイブリダイズした結果を示す図面に代わる写真である。

5

発明を実施するための最良の形態

以下、本発明の実施例を具体的に説明するが、本発明はこれらに限定されるものではない。

実施例 1

10 ラット由来のob蛋白レセプターcDNAのクローニング

S D (Sprague-Dawley)ラット (雄、日本 S L C 株式会社)、Zucker(fa/fa)ラット (雄、Kiwa Laboratory Animals Co., Ltd)及びBALB/cマウス (雄、15 日本 S L C 株式会社) の肺に由来する全RNAを用いて、RT-PCR法を利用して、これらのob蛋白レセプターcDNAをクローニングした。

(1) 全RNAの調製

ラットの肺組織を、4. 4 M グアニジン・チオシアネート、0. 1 M β -メルカプトエタノール及び25
20 mMクエン酸ナトリウムを含む溶液 (pH 7) 中でホモジナイズし、続いて5. 7 M CsClを添加して遠心

(140,000×g、1020分間)することにより、全RNA
Aを調製した(Sambrook, J., Fritsch, E.F., and Mania
tis, T. (1989) Molecular Cloning: A Laboratory Manu
al, 2nd ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press;
5 Ullrich, A., Shine, J., Chirgwin, J., Pictet, R.,
Tischer, E., Rutter, W.J., and Goodman, H.M. (1977)
Science 196, 1313-1319)。

(2) RT-PCRを用いたラットob蛋白レセプターc
DNAのクローニング

10 (i) cDNAの調製

(1)で調製した各種ラットの肺由来の全RNAを用
いて、逆転写ポリメラーゼ鎖反応を行い、cDNAを調
製した。

具体的には、まず(1)で調製した全RNA (10 μ
15 g)を逆転写用の反応混液(10 μl : 50 mM トリ
ス(pH 8.3)、50 mM KCl、8 mM MgCl₂、5 mM
ジチオスレイトール、各dNTPを20 mM
ずつ、RNase阻害剤を50ユニット〔プロメガ・
コーポレーション(Promega Corporation)、マジソン(Ma
20 dison)、ウイコンシン州(Wiscon)、U.S.A.〕、オリ
ゴ(dT)₁₇ 50 pmol、及びアビアン・ミエロブ
ラストシス・ヴァイラスーリバー・ス・トランスクリプタ

ーゼ X L 17 ユニット (avian myeloblastosis virus
-reverse transcriptase XL: ライフサイエンス社 (Life
Science inc.,) 製) 中で 42 °C、2 時間 インキュベ
ションした。インキュベーション後、かかる混液を 98 °C
5 で 10 分間加熱して、反応を停止して、cDNA を調製
した。

(ii) cDNA の増幅 (PCR 法)

ついで、得られた cDNA を増幅させるために、上記
の逆転写反応混液 (1 μ l)、各 200 μ M の dNTP
10 s (デオキシヌクレオシドホスフェート) 0.5 ユニッ
トの Perfect Match® PCR Enhancer [ストラタジーン・
クローニング・システムズ社 (Stratagene Cloning Sys
tems) 製]、2.5 ユニットの TaKaRa LA Taq DNA ポリメ
ラーゼ (タカラ酒造株式会社製) 及び各 アンチセンス・
15 キナーゼ・プライマーを 17 pmol 含む反応液 (50
 μ l) を用いて、ポリメラーゼ鎖反応 (PCR) を行っ
た。

プライマーとして、2 セットのプライマー、S1-A
3 (センスプライマー S1 と アンチセンスプライマー A
3 からなる) 及び S2-A4 (センスプライマー S2 と
20 アンチセンスプライマー A4 からなる) を使用して、P
CR を行った。

プライマー S 1 と A 4 は、マウス o b 蛋白レセプター c D N A の 5 ' 又は 3 ' 側の非翻訳領域に特異的であり、S 2 と A 3 はその翻訳領域に特異的である（図 1 参照）。センスプライマー S 1 は 30 塩基の長さであり、
5 翻訳開始部位であるアデニンから、- 30 から - 1 の残基、G C A A A T C C A G G T G T A C A C C T C T G A A G A A A G から構成されている。センスプライマー S 2 は 30 塩基の長さであり、塩基番号 1 1 3 9 から 1 1 6 8 の残基、G C A T T G T G A G T G A C C G A G
10 T T A G C A A A G T T A から構成されている。アンチセンスプライマー A 3 は 30 塩基長さであり、塩基番号 1 2 4 2 から 1 2 1 3 残基、C T G C T C A T T G C A G C A G T A C A C T G C G T C A T A から構成されている。アンチセンスプライマー A 4 は、30 塩基長さで
15 あり、塩基番号 2 7 1 6 から 2 6 8 7 残基、T T G G G T T C A T C T G T A G T G G T C A T G A G A G A C から構成されている。

P C R は、G e n e A m p ® P C R システム 9 6 0 0 [パーキンエルマー・コーポレーション (Perkin-Elmer
20 Corp.,) 製] を用いて、96 °C で 40 秒間、65 °C で 40 秒間、72 °C で 100 秒間の反応を 35 サイクル実施することにより行った。

実施例 2

ラット由来の o b 蛋白レセプター c D N A の塩基配列の解析

- 5 (1) S D ラット由来の o b 蛋白レセプター c D N A の塩基配列

実施例 1 で得られた P C R 生成物をアガロースゲル中で電気泳動にかけて分画した。図 2 に、S D ラットおよび B A L B / c マウスの o b 蛋白レセプター c D N A の
10 P C R 生成物の電気泳動パターンを示す。

該ゲルから、S U P R E C TM (タカラ酒造株式会社製)を用いることにより、約 1.3 キロベース (k b) の P C R 生成物 (S 1 - A 3) 及び約 1.6 k b の P C R 生成物 (S 2 - A 4) を単離して、それをプラスミド p U
15 C 1 9 の H i n c II 消化物の中にクローンした。

次いで、S D ラット由来の o b 蛋白レセプター c D N A の塩基配列を、該ベクターもしくはラット o b 蛋白レセプター c D N A 配列に相同性のある合成オリゴヌクレオチド・プライマー [p U C 1 9 のクローニングサイトに隣接した R V - M、M 1 3 - 2 0 (タカラ酒造株式会社製) を用いて、プライマーエクステンションによって
20 塩基配列を決定して常法により調製したもの。] を用い

て、ABI 373A 自動DNAシーケンシング・システム（パーキナーエルマー株式会社）により、ジデオキシヌクレオチドチェイン・ターミネーション法で決定した〔Sanger, F., Nicklen, S., and Coulson, A. R. (1977) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74, 5463-5467; Adams, M. D., Fields, C., Venter, J. C. (1994) Automated DNA Sequencing and Analysis, Academic Press, London〕。

結果を図3に示す。なお、配列中の下段は得られた塩基配列から演繹されるSDラットのob蛋白レセプターのアミノ酸配列を示す。かかる配列から、gp130のようなサイトカインレセプター・クラスIの中で保存されているTrp-Ser-X-Trp-Serモチーフの二つのコピーがラットob蛋白レセプターcDNA中に存在していることが分かった（図3、細い下線領域）。

塩基配列中、塩基番号763位から837位の領域（アミノ酸番号263位から277位）について、SDラット、マウス及びヒトの間で比較した結果を図4に示す。図4から分かるように、かかる領域において、塩基配列及びアミノ酸配列の両者がともに良く保存されていた。

（2）Zucker(fa/fa)ラット由来のob蛋白レセプターc

D N A の塩基配列

(1)と同様にして、Zucker(fa/fa)ラット由来のob
蛋白レセプターcDNAをPCRで増幅し、その塩基配
列を決定した。その結果、塩基番号806位がアデニン
5 ではなくシトシンである点を除いては、すべて図3で示
すSDラット由来のob蛋白レセプターcDNAの塩基
配列と同一であった。塩基配列において、806位のヌ
クレオチド変化することにより、Zucker(fa/fa)ラット由
来のcDNA配列において、新たに制限酵素HpaIIが
10 形成され(図5)、またこの変化により該ヌクレオチド
に対応するコドン269は、SDラットがグルタミンで
あるのに対し、Zucker(fa/fa)ラットでは、プロリンにな
っていた(図5)。

(3)ラットob蛋白レセプターcDNAの制限酵素H
15 p a II消化による解析

(2)で示したヌクレオチドの変化が、実際に存在して
いるのか否かを確認するために、種々の株に由来するラ
ット〔SDラット、Zucker(fa/fa)ラット、Zucker(fa/f
a)ラットの子腹子(No.1~4)、Wistarラット、Wis
20 tar(fa/fa)ラット、Wistar(fa/fa)ラットの子腹子(No.
1~4)〕の肺のRNAsについてプライマーS15及
びA3を使用して、実施例1(1)で行った方法に従っ

て R T - P C R を行った。

センスプライマー S 1 5 は 2 1 塩基の長さで、ラット
o b 蛋白レセプター c D N A の 6 3 9 残基から 6 5 9 残
基までの配列に特異的なヌクレオチド配列、A A T C A
5 C A T C T G C T G G T G T G A G を有する。P C R は、
9 6 ° C で 3 0 秒、5 7 ° C で 3 0 秒、および 7 2 ° C で 6 0
秒の反応を 3 0 サイクル実施することにより行った。P
C R 後、得られた生成物を、順次フェノール／クロロホルム抽出およびエタノール沈殿に供した。該サンプルを
10 制限酵素 H p a I I もしくは M s p I で消化し、アガロー
スゲルの電気泳動にかけて分画した。

もし、得られた R T - P C R 生成物 (約 6 0 0 b p)
が、8 0 6 位付近に H p a I I 切断部位を含んでいるなら
ば、H p a I I 消化の結果として約 4 3 0 b 及び 1 7 0 b
15 p の切断されたフラグメントが生成することが期待され
る。

結果を図 6 に示す。Zucker(fa/fa)ラット及び Wistar
(fa/fa)ラット由来の R T - P C R 生成物はほとんど完全
に H p a I I 消化により断片化された。S D ラット由来の
20 R T - P C R 生成物及び Zucker(fa/fa)ラットの同腹子 N
o. 1 は H p a I I 消化に抵抗性を示した。他の Zucker(f
a/fa)ラット及び Wistar(fa/fa)ラットの同腹子由来の R

T - P C R 生成物は、H p a II消化により部分的に断片化された。また、制限酵素H p a IIと同じ配列を認識するM s p Iで消化することによっても、同じ結果が得られた。

- 5 これらの結果は、f a/faラットの806位のヌクレオチドはシトシンであり、アデニンでないことを示している。また、この変化により塩基番号806位付近に制限酵素H p a IIもしくはM s p Iの認識部位が形成されることが明らかになった。
- 10 さらにこれらの結果は、Zucker(fa/fa)ラットの子腹子No. 1の遺伝子型 (genotype) はホモFa/Fa [非肥満形質 (優性形質) の同型接合体] であり、Zucker(fa/fa)ラットの他の子腹子及びWistar(fa/fa)ラットの子腹子の遺伝子型がヘテロFa/fa [非肥満形質と肥満形質 (劣性形質)]
- 15 の異型接合体]であることを示唆している。

実施例 3

ラットob蛋白レセプターcDNAフラグメントのDNA分析及びRNA分析プローブとしての利用

- 20 (1) ラベル化プローブの調製

実施例2(1)で調製したプラスミドベクターからラットob蛋白レセプターcDNAフラグメント(S1と

A 3、S 2 と A 4 から作製したものを同量混ぜて用いた) を切断して、 $[\alpha - P^{32}]$ d C T P を用いて、常法に従って放射性標識化を行い、ラベル化プローブを調製した (Anal. Biochem., 132, 6-13 (1983); Molecular cloning: A Laboratory Manual, 2nd ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press,]。

(2) 数種系統のラット染色体 D N A のプロットハイブリダイゼーション

Wistar ラット、S D ラット、Zucker(fa/fa) ラット及び
10 その同腹子を含む種々の系統のラットの染色体 D N A を用いた。D N A はこれらのラットの肝臓から、プロテナーゼ K 消化、フェノール/クロロホルム抽出およびエタノール沈殿を逐次 (連続的に) 行うことにより抽出した [Nucleic Acids Res. 3, 2303-2308 (1976)]。

15 得られた D N A (5 μ g) を E c o R I、H i n d I I I、B a m H I 又は P s t I で完全に消化し、0.7% アガロースゲル中で分離した後、H y b o n d TM - N ナイロンハイブリダイゼーション膜 (アマシャム・インターナショナル社製) に移した [J. Mol. Biol. 98, 503-517 (1975)]。該膜を(1) で調製した $[\alpha - ^{32}P]$ d C T P ランダムプライミング・ラベル化ラット o b 蛋白レセプター c D N A プローブでハイブリダイズし、正確に、
20

0. 5 × 希釈の標準クエン酸生理食塩水 (SSC; 1 × SSC は 150 mM NaCl、15 mM クエン酸ナトリウムからなる)、0. 1 % 硫酸ドデシルナトリウム (SDS) で 68 °C 下で洗浄し、X 線フィルムに曝した。

5 結果を図 7 に示す。図 7 に示すように、EcoRI 消化で生成した約 6 kb、4 kb 及び 0. 7 kb のフラグメント (図 7 A)、BamHI 消化で生成した約 25 kb 及び 10 kb のフラグメント (図 7 C)、HindIII 消化で生成した約 8 kb、2. 5 kb 及び 1. 5 kb の
10 フラグメントを含む 7 つ以上の DNA フラグメント (図 7 B)、及び PstI 消化で生成した 10 kb、6 kb、3 kb 及び 2 kb のものを含む 8 つ以上の DNA フラグメント (図 7 D) が、[α -P³²] dCTP ラベル化 ob 蛋白レセプター cDNA プロブとハイブリダイズし
15 た。

7 種類のラット株間で、ハイブリダイズ・バンドのパターンには違いは見られず、これらのラット株には、ob 蛋白レセプター遺伝子の明らかな構造変化は見られなかった。

20 (3) ラットの様々な組織での mRNA の発現レベル

Zucker(fa/fa)ラットの同腹子 No. 4 を用いて、その様々な組織 (脳、心臓、肺、脾臓、腎臓、睪丸、筋肉、

脂肪組織、脾臓、小腸、肝臓)に由来する全RNAを実施例1(1)に従って調製した。

次いで得られた全RNAs(13 μ g)を50%ホルムアミド、2.2Mホルムアルデヒド中に、65℃下で1
5 0分間置いて変性させ、そして2.2Mのホルムアルデヒドを含む1%アガロースゲルを用いた電気泳動にかけた。そして該ゲルをHybondTM-Nナイロンハイブリダイゼーション膜(アマシャム・インターナショナル社製)にブロッティングした。該膜を(1)で調製した[α -
10 ³²P] dCTPランダムプライミング・ラベルしたob
蛋白レセプターcDNAフラグメントプローブでハイブリダイズし、0.1%硫酸ドデシルナトリウム(SDS)を含有する0.5倍希釈の標準クエン酸生理食塩水(SSC; 1 \times SSCは150mM NaCl、15mM ク
15 エン酸ナトリウムからなる)で68℃下で洗浄し、X線フィルムに曝した。

結果を図8に示す。ハイブリダイゼーションシグナルは脳、肺、脾臓、脂肪細胞、小腸及び肝臓由来のRNAにはっきりと観察された。これらのうち、特に脾臓はob
20 蛋白レセプターmRNAを高いレベルで発現していた(図8A)。

引き続いて、SDラット、Zucker(fa/fa)ラット及びZ

ucker(fa/fa)ラットの同腹子 No. 4 のいくつかの脳および肺における ob 蛋白レセプター mRNA の発現レベルについて、同様にして測定した。これらの器官に関しては、ラット間において、ob 蛋白レセプター mRNA の発現レベルの違いは見られなかった (図 8 B)。ゲルの各レーンにおける RNA 量は、エチジウムブロマイド蛍光による検出、また、ナイロンハイブリダイゼーション膜に RNA を移した後に、ゲルから 18 S と 28 S DNA に特異的なバンドを直接的に同定することにより、一定であると判断された。なお、定量には、バイオイメージ・アナライザー BAS 2000 (富士フイルム株式会社製) を使用した。

実施例 4

15 制限酵素 Hpa II 消化による変異型ラット ob 蛋白レセプター遺伝子の検出

実施例 3 で増幅・調製した SD ラット、Zucker(fa/fa) ラット、Wistar ラット、Wistar(fa/fa) ラットの肺由来の PCR 反応物 (cDNA) 10 μ l を用いて、これに制限酵素緩衝液 1 μ l 及び制限酵素 Hpa II を 1 μ l 加え、37 $^{\circ}$ C で一晩消化した後、2% アガロースゲル電気泳動にかけ、変異遺伝子の判定を以下のように行った。

即ち、PCRに際して、センスプライマーとしてS1
5 (ラットob蛋白レセプターcDNAの塩基番号63
9から659残基までの配列に相同性のあるヌクレオチ
ド配列、AATCACATCTGCTGGTGAG)、
5 アンチセンスプライマーとしてA3 (ラットob蛋白レ
セプターcDNAの塩基番号1242から1213残基
までの配列に相同性のあるヌクレオチド配列、CTGC
TCATTGCAGCAGTACACTGCATCAT
A)を用いてPCRを行うと、各cDNAの対応する塩
10 基配列を有する約600bpの断片が増幅される。

かかる断片を、制限酵素HpaII消化した後、2%ア
ガロースゲル電気泳動にかけると、塩基番号806位が
シトシンに変異したZucker(fa/fa)ラット及びWistar(fa
/fa)ラット由来のcDNAは、430bp及び170b
15 pの断片のバンドが観察された。一方、SDラット及び
Wistarラット由来のcDNAは、分解されず600bp
断片のバンドが観察された。

実施例 5

20 ヘテロ(fa/Fa)同士を掛け合わせた子ラットの尾から微
量の血液を採取して常法に従ってDNAを抽出する。次
にラットob蛋白レセプターcDNAの塩基配列に基づ

いて、塩基番号806位のヌクレオチドを含むように、適宜PCRプライマーのペアを合成する。このプライマーを用いて常法に従って、PCRを実施する。増幅したフラグメントを、制限酵素HpaIIで消化・切断して、
5 電気泳動にかけて、図6に示すと同様に、fa遺伝子のホモ(fa/fa)、あるいはヘテロ(fa/Fa)、もしくは正常型のホモ(Fa/Fa)をその切断パターンから判定する。

以上の実施例から、HpaII消化による制限フラグメントの長さの違いに基づいて、変異型ob蛋白レセプター遺伝子の存在を検出することができ、この方法が、ラ
10 ットの生後すぐもしくは離乳前にZuckerラットやWistarラットの肥満症の遺伝子型(fa/fa)を検出するのに有用であることが示された。

15

産業上の利用可能性

本発明はob蛋白レセプターの遺伝子を提供する。また本発明は、肥満の表現形質を発現する、温血動物に由来するob蛋白レセプターの遺伝子の突然変異体を明らかにし、かかる変異型遺伝子を提供する。かかる遺伝子
20 情報は、遺伝子ダーゲッティング等の方法によるこれらの遺伝子破壊動物の作成等、家畜を始めとする温血動物を早期に肥満させる方法において有用である。

更に本発明は、肥満形質を発現する温血動物に由来するob蛋白レセプター遺伝子（変異型）を検出する方法を提供する。当該方法によれば、肥満を自然発症するモデル動物を迅速に検出することが可能となり、これは肥
5 満のメカニズムや関連疾患の病因を解明するために使用される疾患モデル動物の生産及び供給に有用である。

10

15

20

配列の長さ : 894

配列の型： アミノ酸

5 トポロジー：直鎖状

配列：

Met Thr Cys Gln Lys Phe Tyr Val Val Leu Leu His Trp Glu Phe Leu
5 10 15
Tyr Val Ile Thr Ala Leu Asn Leu Ala Tyr Pro Thr Ser Pro Trp Arg
10 20 25 30
Phe Lys Leu Phe Cys Ala Pro Pro Ser Thr Thr Asp Asp Ser Phe Leu
35 40 45
Ser Pro Ala Gly Val Pro Asn Asn Thr Ser Ser Leu Lys Gly Ala Ser
50 55 60
15 Glu Ala Leu Val Glu Ala Lys Phe Asn Ser Thr Gly Ile Tyr Val Ser
65 70 75 80
Glu Leu Ser Lys Thr Ile Phe His Cys Cys Phe Gly Asn Glu Gln Gly
85 90 95
Gln Asn Cys Ser Ala Leu Thr Gly Asn Thr Glu Gly Lys Thr Leu Ala
20 100 105 110
Ser Val Val Lys Pro Leu Val Phe Arg Gln Leu Gly Val Asn Trp Asp
115 120 125

Ile Glu Cys Trp Met Lys Gly Asp Leu Thr Leu Phe Ile Cys His Met
 130 135 140
 Glu Pro Leu Leu Lys Asn Pro Phe Lys Asn Tyr Asp Ser Lys Val His
 145 150 155 160
 5 Leu Leu Tyr Asp Leu Pro Glu Val Ile Asp Asp Leu Pro Leu Pro Pro
 165 170 175
 Leu Lys Asp Ser Phe Gln Thr Val Gln Cys Asn Cys Ser Val Arg Glu
 180 185 190
 Cys Glu Cys His Val Pro Val Pro Arg Ala Lys Val Asn Tyr Ala Leu
 10 195 200 205
 Leu Met Tyr Leu Glu Ile Thr Ser Ala Gly Val Ser Phe Gln Ser Pro
 210 215 220
 Leu Met Ser Leu Gln Pro Met Leu Val Val Lys Pro Asp Pro Pro Leu
 225 230 235 240
 15 Gly Leu Arg Met Glu Val Thr Asp Asp Gly Asn Leu Lys Ile Ser Trp
 245 250 255
 Asp Ser Gln Thr Lys Ala Pro Phe Pro Leu Gln Tyr Gln Val Lys Tyr
 260 265 270
 Leu Glu Asn Ser Thr Ile Val Arg Glu Ala Ala Glu Ile Val Ser Asp
 20 275 280 285
 Thr Ser Leu Leu Val Asp Ser Val Leu Pro Gly Ser Ser Tyr Glu Val
 290 295 300

	Gln	Val	Arg	Ser	Lys	Arg	Leu	Asp	Gly	Ser	Gly	Val	Trp	Ser	Asp	Trp	
	305					310					315					320	
	Ser	Leu	Pro	Gln	Leu	Phe	Thr	Thr	Gln	Asp	Val	Met	Tyr	Phe	Pro	Pro	
					325					330						335	
5	Lys	Ile	Leu	Thr	Ser	Val	Gly	Ser	Asn	Ala	Ser	Phe	Cys	Cys	Ile	Tyr	
			340						345						350		
	Lys	Asn	Glu	Asn	Gln	Thr	Ile	Ser	Ser	Lys	Gln	Ile	Val	Trp	Trp	Met	
		355						360						365			
	Asn	Leu	Ala	Glu	Lys	Ile	Pro	Glu	Thr	Gln	Tyr	Asn	Thr	Val	Ser	Asp	
10		370					375						380				
	His	Ile	Ser	Lys	Val	Thr	Phe	Ser	Asn	Leu	Lys	Ala	Thr	Arg	Pro	Arg	
	385				390						395					400	
	Gly	Lys	Phe	Thr	Tyr	Asp	Ala	Val	Tyr	Cys	Cys	Asn	Glu	Gln	Ala	Cys	
				405						410					415		
15	His	His	Arg	Tyr	Ala	Glu	Leu	Tyr	Val	Ile	Asp	Val	Asn	Ile	Asn	Ile	
			420						425					430			
	Ser	Cys	Glu	Thr	Asp	Gly	Tyr	Leu	Thr	Lys	Met	Thr	Cys	Arg	Trp	Ser	
		435						440					445				
	Pro	Ser	Thr	Ile	Gln	Ser	Leu	Val	Gly	Ser	Thr	Val	Gln	Leu	Arg	Tyr	
20		450					455						460				
	His	Arg	Arg	Ser	Leu	Tyr	Cys	Pro	Asp	Asn	Pro	Ser	Ile	Arg	Pro	Thr	
	465					470						475				480	

Ser Glu Leu Lys Asn Cys Val Leu Gln Thr Asp Gly Phe Tyr Glu Cys
 485 490 495
 Val Phe Gln Pro Ile Phe Leu Leu Ser Gly Tyr Thr Met Trp Ile Arg
 500 505 510
 5 Ile Asn His Ser Leu Gly Ser Leu Asp Ser Pro Pro Thr Cys Val Leu
 515 520 525
 Pro Asp Ser Val Val Lys Pro Leu Pro Pro Ser Asn Val Lys Ala Glu
 530 535 540
 Ile Thr Ile Asn Thr Gly Leu Leu Lys Val Ser Trp Glu Lys Pro Val
 10 545 550 555 560
 Phe Pro Glu Asn Asn Leu Gln Phe Gln Ile Arg Tyr Gly Leu Asn Gly
 565 570 575
 Lys Glu Ile Gln Trp Lys Thr His Glu Val Phe Asp Ala Lys Ser Lys
 580 585 590
 15 Ser Ala Ser Leu Pro Val Ser Asp Leu Cys Ala Val Tyr Val Val Gln
 595 600 605
 Val Arg Cys Arg Arg Leu Asp Gly Leu Gly Tyr Trp Ser Asn Trp Ser
 610 615 620
 Ser Pro Ala Tyr Thr Leu Val Met Asp Val Lys Val Pro Met Arg Gly
 20 625 630 635 640
 Pro Glu Phe Trp Arg Ile Met Asp Gly Asp Ile Thr Lys Lys Glu Arg
 645 650 655

Asn Val Thr Leu Leu Trp Lys Pro Leu Met Lys Asn Asp Ser Leu Cys
 660 665 670
 Ser Val Arg Arg Tyr Val Val Lys His Arg Thr Ala His Asn Gly Thr
 675 680 685
 5 Trp Ser Gln Asp Val Gly Asn Gln Thr Asn Leu Thr Phe Leu Trp Ala
 690 695 700
 Glu Ser Ala His Thr Val Thr Val Leu Ala Ile Asn Ser Ile Gly Ala
 705 710 715 720
 Ser Leu Val Asn Phe Asn Leu Thr Phe Ser Trp Pro Met Ser Lys Val
 10 725 730 735
 Asn Ala Val Gln Ser Leu Ser Ala Tyr Pro Leu Ser Ser Ser Cys Val
 740 745 750
 Ile Leu Ser Trp Thr Leu Ser Pro Asn Asp Tyr Ser Leu Leu Tyr Leu
 755 760 765
 15 Val Ile Glu Trp Lys Asn Leu Asn Asp Asp Asp Gly Met Lys Trp Leu
 770 775 780
 Arg Ile Pro Ser Asn Val Asn Lys Tyr Tyr Ile His Asp Asn Phe Ile
 785 790 795 800
 Pro Ile Glu Lys Tyr Gln Phe Ser Leu Tyr Pro Val Phe Met Glu Gly
 20 805 810 815
 Val Gly Lys Pro Lys Ile Ile Asn Gly Phe Thr Lys Asp Asp Ile Ala
 820 825 830

Lys Gln Gln Asn Asp Ala Gly Leu Tyr Val Ile Val Pro Ile Ile Ile
 835 840 845
 Ser Ser Cys Val Leu Leu Leu Gly Thr Leu Leu Ile Ser His Gln Arg
 850 855 860
 5 Met Lys Lys Leu Phe Trp Asp Asp Val Pro Asn Pro Lys Asn Cys Ser
 865 870 875 880
 Trp Ala Gln Gly Leu Asn Phe Gln Lys Arg Ala Asp Thr Leu***
 885 890

10 配列番号 : 2

配列の長さ : 2685

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

15 配列の種類 : DNA (cDNA)

配列の特徴 :

特徴を表す記号 : CDS

存在位置 : 1..2682

特徴を決定した方法 : S

20 配列 :

ATGACGTGTC AGAAATTCTA TGTGGTTTTG TTAACTGGG AATTTCTGTA TGTGATAACT 60
 GCACTTAACC TGGCCTATCC AACCTCTCCC TGGAGATTTA AGCTGTTTTG TGCGCCACCG 120

AGTACAACTG ATGACTCCTT TCTCTCTCCT GCTGGAGTCC CAAACAATAC TTCGTCTTTG 180
AAGGGGGCTT CTGAAGCACT TGTGAAGCT AAATTTAATT CAACTGGTAT CTACGTTTCT 240
GAGTTATCCA AAACCATTTT CCACTGTTGC TTTGGGAATG AGCAAGGTCA AAAGTCTCC 300
GCACTCACAG GCAAACTGA AGGGAAGACG CTGGCTTCAG TGGTGAAGCC TTTAGTTTTT 360
5 CGCCAACTAG GTGTAACTG GGACATAGAG TGCTGGATGA AAGGGGACTT GACATTATTC 420
ATCTGTCATA TGGAACCATT ACTTAAGAAC CCCTTCAAGA ATTATGACTC TAAGGTTTAC 480
CTTTTATATG ATCTGCCTGA AGTTATAGAT GATTTGCCTC TGCCCCCACT GAAAGACAGC 540
TTTCAGACTG TCCAGTGCAA CTGCAGTGTT CGGGAATGCG AATGTCATGT ACCAGTACCC 600
AGAGCCAAAG TCAACTACGC TCTTCTGATG TATTTAGAAA TCACATCTGC TGGTGTGAGT 660
10 TTTCAGTCAC CTCTAATGTC ACTGCAGCCC ATGCTTGTTG TGAAGCCCGA TCCACCGCTG 720
GGTTTGCCTA TGGAAGTCAC AGATGATGGT AATTTAAAGA TTTCATGGGA CAGCCAAACA 780
AAAGCACCAT TTCCACTTCA ATATCAGGTG AAATATTTAG AGAATTCTAC AATCGTAAGA 840
GAGGCTGCTG AAATCGTCTC GGATACATCT CTGCTGGTAG ACAGCGTGCT TCCTGGGTCT 900
TCATACGAGG TCCAGGTGAG GAGCAAGAGA CTGGATGGCT CAGGAGTCTG GAGTACTGG 960
15 AGTTTACCTC AACTCTTTAC CACACAAGAT GTCATGTATT TTCCACCCAA AATTCTGACG 1020
AGTGTGGAT CCAATGCTTC CTTTGTCTGC ATCTACAAA ATGAGAACCA GACTATCTCC 1080
TCAAAACAAA TAGTTTGGTG GATGAATCTA GCCGAGAAGA TCCCCGAGAC ACAGTACAAC 1140
ACTGTGAGTG ACCACATTAG CAAAGTCACT TTCTCCAACC TGAAAGCCAC CAGACCTCGA 1200
GGGAAGTTA CCTATGATGC AGTGTAATGC TGCAATGAGC AGGCATGCCA TCACCGCTAC 1260
20 GCTGAATTAT ATGTGATCGA TGTCAATATC AATATATCAT GTGAACTGA CGGGTACTTA 1320
ACTAAAATGA CTTGCAGATG GTCACCCAGC ACAATCCAAT CACTAGTGGG AAGCACTGTG 1380
CAGTTGAGGT ATCACAGGCG CAGCCTGTAC TGTCCCGATA ATCCATCTAT TCGTCTTACA 1440

TCAGAGCTCA AAAACTGCGT CTTACAGACA GATGGCTTTT ATGAATGTGT TTTCCAGCCA 1500
ATCTTTCTAT TATCTGGCTA TACAATGTGG ATCAGGATCA ACCATTCTTT AGGTTCACCT 1560
GACTCTCCAC CAACGTGTGT CCTTCCTGAC TCCGTAGTAA AACCCTACC TCCATCTAAT 1620
GTAAAAGCAG AGATTACTAT AAACACTGGA TTATTGAAAG TATCTTGGGA AAAGCCAGTC 1680
5 TTTCCAGAGA ATAACCTTCA GTTCCAGATT CGATATGGCT TAAATGGAAA AGAAATACAA 1740
TGGAAGACAC ACGAGGTATT CGATGCAAAA TCAAAATCGG CCAGCCTGCC AGTGTGAGAT 1800
CTCTGTGCGG TCTATGTGGT ACAGGTTCGC TGCCGGCGGT TGGATGGACT AGGGTATTGG 1860
AGTAATTGGA GCAGTCCAGC CTACACTCTT GTCATGGATG TAAAAGTTCC TATGAGAGGG 1920
CCTGAATTCT GGAGAATAAT GGATGGGGAT ATTACTAAAA AGGAGAGAAA TGTACCTTG 1980
10 CTTTGGAAGC CACTGATGAA AAATGACTCA CTGTGTAGTG TGAGGAGGTA TGTGGTGAAG 2040
CATCGTACTG CCCACAATGG GACATGGTCA CAAGATGTGG GAAATCAGAC CAATCTCACT 2100
TTCCTGTGGG CAGAATCAGC ACACACTGTT ACAGTTCTGG CCATCAATTC CATCGGTGCC 2160
TCCCTTGTA ATTTAACCT TACGTTCTCA TGGCCCATGA GTAAAGTGAA TGCTGTGCAG 2220
TCACTCAGTG CTTATCCCCT GAGCAGCAGC TCGTCATCC TTTCTGGAC ACTGTCACCT 2280
15 AATGATTATA GTCTGTTATA TCTGGTTATT GAATGGAAGA ACCTTAATGA TGATGATGGA 2340
ATGAAGTGGC TTAGAATCCC TTCGAATGTT AACAAGTATT ATATCCATGA TAATTTTATT 2400
CCTATCGAGA AATGTCAGTT TAGTCTTTAC CCAGTATTTA TGGAAGGAGT TGGAAAACCA 2460
AAGATAATTA ATGGTTTCAC CAAAGATGAT ATCGCCAAAC AGCAAAATGA TGCAGGGCTG 2520
TATGTCATTG TACCGATAAT TATTTCTCT TGTGTCCTGC TGCTCGGAAC ACTGTTAATT 2580
20 TCACACCAGA GAATGAAAAA GTTGTTTTGG GACGATGTTT CAAACCCCAA GAATTGTTCC 2640
TGGGCACAAG GACTTAATTT CCAAAAGAGA GCGGACACTC TTTGA 2685

配列番号：3

配列の長さ : 894

codon

配列の型: アミノ酸

トポロジー：直鎖状

5 配列：

Met Thr Cys Gln Lys Phe Tyr Val Val Leu Leu His Trp Glu Phe Leu
5 10 15

Tyr Val Ile Thr Ala Leu Asn Leu Ala Tyr Pro Thr Ser Pro Trp Arg
20 25 30

10 Phe Lys Leu Phe Cys Ala Pro Pro Ser Thr Thr Asp Asp Ser Phe Leu
35 40 45

Ser Pro Ala Gly Val Pro Asn Asn Thr Ser Ser Leu Lys Gly Ala Ser
50 55 60

Glu Ala Leu Val Glu Ala Lys Phe Asn Ser Thr Gly Ile Tyr Val Ser
15 65 70 75 80

Glu Leu Ser Lys Thr Ile Phe His Cys Cys Phe Gly Asn Glu Gln Gly
85 90 95

Gln Asn Cys Ser Ala Leu Thr Gly Asn Thr Glu Gly Lys Thr Leu Ala
100 105 110

20 Ser Val Val Lys Pro Leu Val Phe Arg Gln Leu Gly Val Asn Trp Asp
115 120 125

Ile Glu Cys Trp Met Lys Gly Asp Leu Thr Leu Phe Ile Cys His Met

	130	135	140
	Glu Pro Leu Leu Lys Asn Pro Phe Lys Asn Tyr Asp Ser Lys Val His		
	145	150	155
	Leu Leu Tyr Asp Leu Pro Glu Val Ile Asp Asp Leu Pro Leu Pro Pro		
5	165	170	175
	Leu Lys Asp Ser Phe Gln Thr Val Gln Cys Asn Cys Ser Val Arg Glu		
	180	185	190
	Cys Glu Cys His Val Pro Val Pro Arg Ala Lys Val Asn Tyr Ala Leu		
	195	200	205
10	Leu Met Tyr Leu Glu Ile Thr Ser Ala Gly Val Ser Phe Gln Ser Pro		
	210	215	220
	Leu Met Ser Leu Gln Pro Met Leu Val Val Lys Pro Asp Pro Pro Leu		
	225	230	235
	Gly Leu Arg Met Glu Val Thr Asp Asp Gly Asn Leu Lys Ile Ser Trp		
15	245	250	255
	Asp Ser Gln Thr Lys Ala Pro Phe Pro Leu Gln Tyr Pro Val Lys Tyr		
	260	265	270
	Leu Glu Asn Ser Thr Ile Val Arg Glu Ala Ala Glu Ile Val Ser Asp		
	275	280	285
20	Thr Ser Leu Leu Val Asp Ser Val Leu Pro Gly Ser Ser Tyr Glu Val		
	290	295	300
	Gln Val Arg Ser Lys Arg Leu Asp Gly Ser Gly Val Trp Ser Asp Trp		

305 310 315 320
Ser Leu Pro Gln Leu Phe Thr Thr Gln Asp Val Met Tyr Phe Pro Pro
325 330 335
Lys Ile Leu Thr Ser Val Gly Ser Asn Ala Ser Phe Cys Cys Ile Tyr
5 340 345 350
Lys Asn Glu Asn Gln Thr Ile Ser Ser Lys Gln Ile Val Trp Trp Met
355 360 365
Asn Leu Ala Glu Lys Ile Pro Glu Thr Gln Tyr Asn Thr Val Ser Asp
370 375 380
10 His Ile Ser Lys Val Thr Phe Ser Asn Leu Lys Ala Thr Arg Pro Arg
385 390 395 400
Gly Lys Phe Thr Tyr Asp Ala Val Tyr Cys Cys Asn Glu Gln Ala Cys
405 410 415
His His Arg Tyr Ala Glu Leu Tyr Val Ile Asp Val Asn Ile Asn Ile
15 420 425 430
Ser Cys Glu Thr Asp Gly Tyr Leu Thr Lys Met Thr Cys Arg Trp Ser
435 440 445
Pro Ser Thr Ile Gln Ser Leu Val Gly Ser Thr Val Gln Leu Arg Tyr
450 455 460
20 His Arg Arg Ser Leu Tyr Cys Pro Asp Asn Pro Ser Ile Arg Pro Thr
465 470 475 480
Ser Glu Leu Lys Asn Cys Val Leu Gln Thr Asp Gly Phe Tyr Glu Cys

	485	490	495
	Val Phe Gln Pro Ile Phe Leu Leu Ser Gly Tyr Thr Met Trp Ile Arg		
	500	505	510
	Ile Asn His Ser Leu Gly Ser Leu Asp Ser Pro Pro Thr Cys Val Leu		
5	515	520	525
	Pro Asp Ser Val Val Lys Pro Leu Pro Pro Ser Asn Val Lys Ala Glu		
	530	535	540
	Ile Thr Ile Asn Thr Gly Leu Leu Lys Val Ser Trp Glu Lys Pro Val		
	545	550	555
			560
10	Phe Pro Glu Asn Asn Leu Gln Phe Gln Ile Arg Tyr Gly Leu Asn Gly		
	565	570	575
	Lys Glu Ile Gln Trp Lys Thr His Glu Val Phe Asp Ala Lys Ser Lys		
	580	585	590
	Ser Ala Ser Leu Pro Val Ser Asp Leu Cys Ala Val Tyr Val Val Gln		
15	595	600	605
	Val Arg Cys Arg Arg Leu Asp Gly Leu Gly Tyr Trp Ser Asn Trp Ser		
	610	615	620
	Ser Pro Ala Tyr Thr Leu Val Met Asp Val Lys Val Pro Met Arg Gly		
	625	630	635
			640
20	Pro Glu Phe Trp Arg Ile Met Asp Gly Asp Ile Thr Lys Lys Glu Arg		
	645	650	655
	Asn Val Thr Leu Leu Trp Lys Pro Leu Met Lys Asn Asp Ser Leu Cys		

660 665 670
Ser Val Arg Arg Tyr Val Val Lys His Arg Thr Ala His Asn Gly Thr
675 680 685
Trp Ser Gln Asp Val Gly Asn Gln Thr Asn Leu Thr Phe Leu Trp Ala
5 690 695 700
Glu Ser Ala His Thr Val Thr Val Leu Ala Ile Asn Ser Ile Gly Ala
705 710 715 720
Ser Leu Val Asn Phe Asn Leu Thr Phe Ser Trp Pro Met Ser Lys Val
725 730 735
10 Asn Ala Val Gln Ser Leu Ser Ala Tyr Pro Leu Ser Ser Ser Cys Val
740 745 750
Ile Leu Ser Trp Thr Leu Ser Pro Asn Asp Tyr Ser Leu Leu Tyr Leu
755 760 765
Val Ile Glu Trp Lys Asn Leu Asn Asp Asp Asp Gly Met Lys Trp Leu
15 770 775 780
Arg Ile Pro Ser Asn Val Asn Lys Tyr Tyr Ile His Asp Asn Phe Ile
785 790 795 800
Pro Ile Glu Lys Tyr Gln Phe Ser Leu Tyr Pro Val Phe Met Glu Gly
805 810 815
20 Val Gly Lys Pro Lys Ile Ile Asn Gly Phe Thr Lys Asp Asp Ile Ala
820 825 830
Lys Gln Gln Asn Asp Ala Gly Leu Tyr Val Ile Val Pro Ile Ile Ile

835 840 845
 Ser Ser Cys Val Leu Leu Leu Gly Thr Leu Leu Ile Ser His Gln Arg
 850 855 860
 Met Lys Lys Leu Phe Trp Asp Asp Val Pro Asn Pro Lys Asn Cys Ser
 5 865 870 875 880
 Trp Ala Gln Gly Leu Asn Phe Gln Lys Arg Ala Asp Thr Leu***
 885 890

配列番号 : 4

10 配列の長さ : 2685

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 一本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : DNA (cDNA)

15 配列の特徴 :

特徴を表す記号 : CDS

存在位置 : 1..2682

特徴を決定した方法 : S

配列 :

20 ATGACGTGTC AGAAATTCTA TGTGGTTTTG TTACACTGGG AATTTCTGTA TGTGATAACT 60
 GCACTTAACC TGGCCTATCC AACCTCTCCC TGGAGATTTA AGCTGTTTTG TGC GCCACCG 120
 AGTACA ACTG ATGACTCCTT TCTCTCTCCT GCTGGAGTCC CAAACAATAC TTCGTCTTTG 180

AAGGGGGCTT CTGAAGCACT TGTGAAGCT AAATTTAATT CAACTGGTAT CTACGTTTCT 240
GAGTTATCCA AAACCATTTT CCACTGTTGC TTTGGGAATG AGCAAGGTCA AAAGTCTCC 300
GCACTCACAG GCAACACTGA AGGGAAGACG CTGGCTTCAG TGGTGAAGCC TTAGTTTTC 360
CGCCAACTAG GTGTAAACTG GGACATAGAG TGCTGGATGA AAGGGGACTT GACATTATTC 420
5 ATCTGTCATA TGGAACCATT ACTTAAGAAC CCCTTCAAGA ATTATGACTC TAAGGTTTAC 480
CTTTTATATG ATCTGCCTGA AGTTATAGAT GATTTCCTC TGCCCCACT GAAAGACAGC 540
TTTCAGACTG TCCAGTGCAA CTGCAGTGT CGGGAATGCG AATGTCATGT ACCAGTACCC 600
AGAGCCAAAG TCAACTACGC TCTTCTGATG TATTTAGAAA TCACATCTGC TGGTGTGAGT 660
TTTCAGTCAC CTCTAATGTC ACTGCAGCCC ATGCTTGTTG TGAAGCCCGA TCCACCGCTG 720
10 GGTTCGCTA TGGAAGTCAC AGATGATGGT AATTTAAAGA TTTCATGGGA CAGCCAAACA 780
AAAGCACCAT TTCCACTTCA ATATCCGGTG AAATATTTAG AGAATTCTAC AATCGTAAGA 840
GAGGCTGCTG AAATCGTCTC GGATACATCT CTGCTGGTAG ACAGCGTGCT TCCTGGGTCT 900
TCATACGAGG TCCAGGTGAG GAGCAAGAGA CTGGATGGCT CAGGAGTCTG GAGTACTGG 960
AGTTTACCTC AACTCTTTAC CACACAAGAT GTCATGTATT TTCCACCCAA AATTCTGACG 1020
15 AGTGTGGAT CCAATGCTTC CTTTGTGCTG ATCTACAAA ATGAGAACCA GACTATCTCC 1080
TCAAAACAAA TAGTTTGGTG GATGAATCTA GCCGAGAAGA TCCCGAGAC ACAGTACAAC 1140
ACTGTGAGTG ACCACATTAG CAAAGTCACT TTCTCCAACC TGAAAGCCAC CAGACCTCGA 1200
GGGAAGTTTA CCTATGATGC AGTGTACTGC TGCAATGAGC AGGCATGCCA TCACCGCTAC 1260
GCTGAATTAT ATGTGATCGA TGTCAATATC AATATATCAT GTGAACTGA CGGGTACTTA 1320
20 ACTAAAATGA CTTGCAGATG GTCACCCAGC ACAATCCAAT CACTAGTGGG AAGCACTGTG 1380
CAGTTGAGGT ATCACAGGCG CAGCCTGTAC TGTCCGATA ATCCATCTAT TCGTCCTACA 1440
TCAGAGCTCA AAAACTGCGT CTTACAGACA GATGGCTTTT ATGAATGTGT TTTCCAGCCA 1500

ATCTTTCTAT TATCTGGCTA TACAATGTGG ATCAGGATCA ACCATTCTTT AGGTTCACTT 1560
GACTCTCCAC CAACGTGTGT CCTTCCTGAC TCCGTAGTAA AACCCTACC TCCATCTAAT 1620
GTAAAAGCAG AGATTACTAT AAACACTGGA TTATTGAAAG TATCTTGGGA AAAGCCAGTC 1680
TTTCCAGAGA ATAACCTTCA GTTCCAGATT CGATATGGCT TAAATGGAAA AGAAATACAA 1740
5 TGGAAGACAC ACGAGGTATT CGATGCAAAA TCAAAATCGG CCAGCCTGCC AGTGTCAAGT 1800
CTCTGTGCGG TCTATGTGGT ACAGGTTCGC TGCCGGCGGT TGGATGGACT AGGGTATTGG 1860
AGTAATTGGA GCAGTCCAGC CTACACTCTT GTCATGGATG TAAAAGTTCC TATGAGAGGG 1920
CCTGAATTCT GGAGAATAAT GGATGGGGAT ATTACTAAAA AGGAGAGAAA TGTCACCTTG 1980
CTTTGGAAGC CACTGATGAA AAATGACTCA CTGTGTAGTG TGAGGAGGTA TGTGGTGAAG 2040
10 CATCGTACTG CCCACAATGG GACATGGTCA CAAGATGTGG GAAATCAGAC CAATCTCACT 2100
TTCCTGTGGG CAGAATCAGC ACACACTGTT ACAGTTCTGG CCATCAATTC CATCGGTGCC 2160
TCCCTTGTA ATTTTAACCT TACGTTCTCA TGGCCCATGA GTAAAGTGAA TGCTGTGCAG 2220
TCACTCAGTG CTTATCCCCT GAGCAGCAGC TGGTTCATCC TTTCTGGAC ACTGTCACCT 2280
AATGATTATA GTCTGTTATA TCTGGTTATT GAATGGAAGA ACCTTAATGA TGATGATGGA 2340
15 ATGAAGTGGC TTAGAATCCC TTCGAATGTT AACAAGTATT ATATCCATGA TAATTTTATT 2400
CCTATCGAGA AATGTCAGTT TAGTCTTTAC CCAGTATTTA TGGAAGGAGT TGGAAAACCA 2460
AAGATAATTA ATGGTTTCAC CAAAGATGAT ATCGCCAAAC AGCAAAATGA TGCAGGGCTG 2520
TATGTCATTG TACCGATAAT TATTTCTCT TGTGTCCTGC TGCTCGGAAC ACTGTTAATT 2580
TCACACCAGA GAATGAAAAA GTTGTTTTGG GACGATGTTT CAAACCCCAA GAATTGTTCC 2640
20 TGGGCACAAG GACTTAATTT CAAAAGAGA GCGGACACTC TTTGA 2685

請 求 の 範 囲

1. 配列番号1で示されるアミノ酸配列をコードする塩基配列を有することを特徴とするob蛋白レセプター遺伝子。
5
2. 配列番号2で示される塩基配列を有することを特徴とする請求項1記載のob蛋白レセプター遺伝子。
3. 肥満の表現形質を発現する温血動物由来のob蛋白レセプター遺伝子。
10
4. 請求項1又は2記載のob蛋白レセプター遺伝子において、コドン269位がグルタミンの代わりにプロリンをコードする塩基配列であることを特徴とする請求項3記載のob蛋白レセプター遺伝子。
15
5. 請求項1又は2記載のob蛋白レセプター遺伝子において、塩基番号806位のヌクレオチドがアデニンの代わりにシトシンであることを特徴とする請求項3または4記載のob蛋白レセプター遺伝子。
20
6. 請求項1乃至2に記載されるob蛋白レセプター遺

伝子に対する変異を検出することを特徴とする、肥満の表現形質を発現する温血動物の遺伝子診断方法。

7. 前記変異が制限酵素部位の新たな形成及び／又は欠失を導くものである、請求項6記載の肥満表現形質を発現する温血動物の遺伝子診断方法。
8. 前記制限酵素部位が、HpaII又はMspIの少なくとも1種であることを特徴とする請求項6又は7記載の肥満表現形質を発現する温血動物の遺伝子診断方法。
9. 請求項3乃至5のいずれかに記載されるob蛋白レセプター遺伝子を検出することを特徴とする請求項6乃至8のいずれかに記載の肥満表現形質を発現する温血動物の遺伝子診断方法。
10. 請求項6乃至9のいずれかに記載される肥満表現形質を発現する温血動物の遺伝子診断方法における、請求項1乃至5に記載されるいずれか少なくとも1種のob蛋白レセプター遺伝子の一部又は全部の使用。

11. 請求項 1 乃至 5 に記載されるいずれか少なくとも 1 種の o b 蛋白レセプター遺伝子の一部又は全部を含むことを特徴とする、肥満表現形質を発現する温血動物を遺伝子学的に検出するための診断剤。

5

12. 請求項 3 乃至 5 のいずれかに記載される o b 蛋白レセプター遺伝子を有することを特徴とする、肥満表現型の温血動物。

10 13. 請求項 3 乃至 5 のいずれかに記載される o b 蛋白レセプター遺伝子を有することを特徴とする、請求項 12 記載の肥満表現型疾患モデル動物。

15

20

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

national application No.

PCT/JP97/01470

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int. Cl⁶ C12N15/00, A01K67/00, C12Q1/68

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int. Cl⁶ C12N15/00, A01K67/00, C12Q1/68

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
WPI, GENETYX-CDROM

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	Cell Vol. 84, February 9, 1996 (09. 02. 96) Hong Chen et al. "Evidence That the Diabetes Gene Encodes the Leptin Receptor: Identification of a Mutation in the Leptin Receptor Gene in db/db mice" P. 491-495	1 - 13
Y	Cell Vol. 83 (1995) Louis A. Tartaglia et al. "Identification and Expression Cloning of a Leptin Receptor, OB-R" P. 1263-1271	1 - 13
Y	JP, 62-175173, A (Sankyo Co., Ltd.), July 31, 1987 (31. 07. 87) (Family: none)	1 - 13

☐ Further documents are listed in the continuation of Box C.☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
July 29, 1997 (29. 07. 97)Date of mailing of the international search report
August 12, 1997 (12. 08. 97)Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office
Facsimile No.

Authorized officer

Telephone No.

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. cl.⁸ C12N15/00, A01K67/00, C12Q1/68

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. cl.⁸ C12N15/00, A01K67/00, C12Q1/68

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

WPI, GENETYX-CDROM

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
Y	Cell VOL. 84, 9. 2A. 1996 (9. 02. 96) Hong Chen .et al 「Evidence That the Diabetes Gene Encodes the Leptin Receptor: Identification of a Mutation in the Leptin Receptor Gene in db/db mice」 P. 491-495	1-13
Y	Cell VOL. 83 (1995) Louis A. Tartaglia. et al 「Identification and Expression Cloning of a Leptin Receptor, OB-R」 P. 1263-1271	1-13
Y	JP, 62-175173, A, (三共株式会社) 31. 7月, 1987 (31. 07. 87) (ファミリーなし)	1-13

☐ C欄の続きにも文献が列挙されている。☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」 先行文献ではあるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)

「O」 口頭による開示、使用、展示等に関する文献

「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」 同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日
29. 07. 97

国際調査報告の発送日

12. 08. 97

国際調査機関の名称及びあて先
日本国特許庁 (ISA/J P)
郵便番号100
東京都千代田区霞が関三丁目4番3号特許庁審査官 (権限のある職員)
藤田 節

4 B 8515

電話番号 03-3581-1101 内線 3449